

# **Computergestützte Netzwerkanalyse in Biologie, Sprach- und Geschichtswissenschaft**

Matthis Krischel, Frank Kressing, Heiner Fangerau

Institut für Geschichte, Theorie und Ethik der Medizin

Universität Ulm

Frauensteige 6 (Michelsberg)

89075 Ulm

matthis.krischel@uni-ulm.de

frank.kressing@uni-ulm.de

heiner.fangerau@uni-ulm.de

Bei der computergestützten Stammbaum- und Netzwerkanalyse in Biologie, Sprach- und Geschichtswissenschaft treten einige besondere methodische Herausforderungen auf, die sich aus der Quellen- und Interpretationsproblematik ergeben. Mit unserem Beitrag vertreten wir die These, dass die Divergenz der Quellenprobleme allgemein überschätzt wird, während die Interpretationsprobleme allgemein unterschätzt werden und dass bei kritischer Beachtung dieser Prämisse die Entwicklung von Sprachen und Ideen mit ähnlichen rechnergestützten Methoden beschrieben werden können, wie sie in der Biologie zur Überprüfung von Genealogien zum Einsatz kommen.

Spezifische Probleme treten auf, wenn Forscher versuchen, große Datenmengen computergestützt zu analysieren und dann in ihren synchronen und diachronen Verhältnissen darzustellen, denn dies erfordert eine Abstraktion von den tatsächlichen Forschungsgegenständen. In unseren Beispielen zeigen wir, wie Datenauswahl, -verarbeitung und -darstellung bestimmte Repräsentationen genealogisch-historischer Prozesse ermöglichen. Wie wir an Stammbäumen und Netzwerken aufzeigen, werden mit Methoden auch Metaphern und implizite Annahmen übernommen. Deshalb sollten sich Forscher bewußt sein, dass die Darstellungsform ihrer Daten die Ergebnisse mitkonstruiert und Interpretationen vorwegnehmen kann.